**Uma Simulação Baseada em Autômatos Celulares do Modelo SIR com Resistência Parcial para Estudos Epidemiológicos**

**Khadidja Moraes Lopes da Silva1, Jones Oliveira de Albuquerque1**

1Departamento de Estatística e Informática  
Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – Recife – PE – Brasil

{khadidja.moraes, jones.albuquerque}@ufrpe.br

*Doenças infecciosas são frequentemente modeladas por sistemas compartimentais como o modelo SIR. No entanto, esses modelos falham em capturar heterogeneidades espaciais e imunológicas presentes em populações reais. Este trabalho apresenta uma simulação baseada em autômatos celulares do modelo SIR, incorporando uma classe adicional de indivíduos parcialmente resistentes à infecção. O código, escrito em Python, utiliza uma vizinhança de Moore para modelar interações locais e aplica regras probabilísticas para infecção e recuperação. Os resultados demonstram que a presença de indivíduos resistentes altera significativamente a dinâmica da propagação, reduzindo o pico de infecção e desacelerando a disseminação. O código está disponível publicamente, permitindo replicabilidade e extensões futuras. Esta abordagem fornece uma ferramenta útil para simulações educacionais, experimentos computacionais e análise de cenários epidemiológicos realistas.*

*Infectious diseases are often modeled using compartmental systems such as the SIR model. However, these models fail to capture the spatial and immunological heterogeneities present in real populations. This work presents a cellular automata-based simulation of the SIR model, incorporating an additional class of individuals who are partially resistant to infection. The code, written in Python, uses a Moore neighborhood to model local interactions and applies probabilistic rules for infection and recovery. The results show that the presence of resistant individuals significantly alters the dynamics of disease spread, reducing the infection peak and slowing down the transmission. The code is publicly available, enabling reproducibility and future extensions. This approach provides a valuable tool for educational simulations, computational experiments, and the analysis of realistic epidemiological scenarios.*

**1. Introdução**

Modelos epidemiológicos são ferramentas fundamentais para entender e prever a dinâmica de doenças infecciosas. Entre eles, o modelo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) é amplamente utilizado por sua simplicidade e aplicabilidade. No entanto, a maioria das implementações assume populações bem misturadas e homogêneas, negligenciando a estrutura espacial e as variações individuais na suscetibilidade.

Modelos de autômatos celulares vêm sendo utilizados como alternativa aos modelos diferenciais, pois permitem incorporar variabilidade espacial e regras locais de transição [1][2]. Trabalhos anteriores aplicaram autômatos ao modelo SIR clássico, mas poucos consideram indivíduos com resistência parcial — um aspecto relevante em pandemias como a da COVID-19, onde a imunidade parcial (natural ou vacinal) alterou significativamente os padrões de disseminação [3].

Apesar de sua relevância, a resistência parcial ainda é pouco representada em simulações espaciais. A maioria dos modelos assume resistência total (imunidade) ou ausência total de resistência, o que limita a capacidade preditiva de tais modelos em cenários realistas.

Este artigo propõe um modelo de autômatos celulares com uma extensão ao SIR tradicional: a inclusão de uma classe de indivíduos resistentes parciais. Nosso objetivo é explorar como essa nova classe afeta a propagação da infecção em uma população distribuída espacialmente.

**2. Metodologia**

O modelo proposto consiste em uma grade bidimensional de células (200x200), onde cada célula representa um indivíduo com um dos seguintes estados: Suscetível, Infectado, Recuperado ou Resistente. A dinâmica de transição entre os estados segue regras probabilísticas, baseadas em interação com os vizinhos imediatos (modelo de vizinhança de Moore, com 8 vizinhos). A simulação é iterativa, atualizando o estado de todas as células simultaneamente a cada passo de tempo.

A principal novidade do modelo é a adição do estado Resistente, representando indivíduos parcialmente imunes à infecção. Diferente dos indivíduos Suscetíveis, esses possuem uma probabilidade reduzida de se infectar ao entrarem em contato com infectados, refletindo imunidade natural, vacinação parcial ou fatores genéticos.

**2.1. Tecnologias Utilizadas**

A implementação foi realizada utilizando ferramentas amplamente adotadas no meio acadêmico e científico:

* Linguagem: Python 3.13.5
* Bibliotecas Principais:
  + NumPy: Para manipulação eficiente de matrizes e dados.
  + Matplotlib: Para visualização da grade e geração da animação da propagação.
  + Ffmpeg: Para criação de vídeos frame a frame.
  + CSV (built-in): Para registro dos dados epidemiológicos a cada passo.
  + OS: Para manipulação de diretórios e arquivos de saída.

**2.2. Definição do estado e regras**

Os estados dos indivíduos foram representados por inteiros: 0 para Suscetíveis, 1 para Infectados, 2 para Recuperados e 3 para Resistentes. As regras de transição entre esses estados foram elaboradas com base em probabilidades realistas e condições epidemiológicas plausíveis.

Inicialmente, indivíduos *Suscetíveis* tornam-se *Infectados* se ao menos um de seus vizinhos estiver infectado, desde que uma variável aleatória seja inferior ao parâmetro *BETA*, que representa a taxa de transmissão. Indivíduos *Resistentes*, por sua vez, também podem ser infectados pelas mesmas condições, mas utilizando uma taxa de infecção reduzida, chamada PROB\_INFEC\_RESISTENTE.

Já os indivíduos *Infectados* evoluem para o estado de *Recuperados* após permanecerem um número mínimo de passos infectados (TEMPO\_MIN\_INFEC) e se um segundo valor aleatório for inferior à probabilidade de recuperação diária (PROB\_RECUPERACAO\_DIARIA). O estado *Recuperado* é definitivo, não sendo considerada reinfecção neste modelo.

**2.3. Parâmetros do Modelo**

O modelo foi calibrado com valores padrão para permitir uma simulação balanceada entre complexidade e realismo. A grade utilizada possui dimensões 200x200, e a simulação foi executada por 250 passos. A taxa de infecção para indivíduos *Suscetíveis* (*BETA*) foi fixada em 0.1, enquanto a taxa para os *Resistentes* foi reduzida pela metade, para 0.05. O tempo mínimo de infecção foi definido como 5 ciclos, e a probabilidade de recuperação diária, como 0.15.

A população inicial contém 15% de indivíduos já no estado de *Resistência parcial* e apenas 5 indivíduos no estado *Infectado*. Esses parâmetros iniciais permitem observar claramente os efeitos da resistência na dinâmica da doença ao longo da simulação.

**2.4. Saídas da Simulação**

O sistema produz duas saídas principais. A primeira é um arquivo **CSV**, que registra, a cada passo da simulação, o número de indivíduos em cada um dos quatro estados. Isso permite análises quantitativas precisas do comportamento do sistema ao longo do tempo.

A segunda saída é uma **animação em vídeo (formato MP4)**, que mostra a progressão espacial da infecção. Cada estado é representado por uma cor diferente, facilitando a visualização da evolução do contágio, do surgimento de clusters de infecção e da atuação das “barreiras” formadas pelos resistentes.

**2.6. Acessibilidade do Código**

Com o objetivo de promover transparência, reprodutibilidade e colaboração, todo o código da simulação está disponível em um [repositório público no GitHub](https://github.com/khadidjamoraes29/AutomatosCelulares.git). O repositório inclui instruções claras de instalação, execução e personalização do código-fonte, bem como exemplos de resultados esperados.

**3. Resultados**

A simulação foi executada com os parâmetros definidos e gerou os seguintes resultados:

* A infecção se espalha rapidamente nos primeiros passos em áreas densamente *Suscetíveis*.
* A presença de indivíduos *Resistente* atenua esse processo, formando “barreiras imunológicas”.
* O número de *Infectados* atinge um pico e depois diminui, conforme mais indivíduos se tornam Recuperados.

**3.1 Comparação com Modelos Clássicos**

Para fins comparativos, a simulação foi executada também **sem indivíduos resistentes**. Os resultados são claros:

| **Métrica** | **Sem Resistência** | **Com Resistência** |
| --- | --- | --- |
| Pico de Infectados | 18.400 (~46%) | 13.200 (~33%) |
| Tempo até o Pico | 40 passos | 60 passos |
| Total de Infectados | 38.000 | 28.000 |

A resistência parcial reduz não apenas o pico, mas também prolonga o tempo até sua ocorrência, achatando a curva epidemiológica. A animação gerada mostra visualmente a propagação e o efeito das barreiras criadas pelos indivíduos resistentes. O arquivo [simulacao.mp4](https://drive.google.com/file/d/1R6FeeT2VwXvb3I2VatodpbGWgasK07fm/view?usp=sharing) permite uma compreensão intuitiva do processo, reforçando os achados quantitativos.

**4. Discussão**

A simulação desenvolvida apresenta resultados que corroboram observações reais sobre o comportamento de epidemias em populações com diferentes níveis de imunidade. A introdução de resistência parcial entre os indivíduos se mostrou um fator crucial na dinâmica da propagação. Apesar de esses indivíduos não serem completamente imunes à infecção, sua presença reduz a conectividade entre clusters de pessoas suscetíveis, o que resulta em uma propagação mais lenta da doença. Essa constatação reforça a hipótese de que a heterogeneidade imunológica atua como uma barreira natural à disseminação, fenômeno também identificado em surtos reais como o da COVID-19.

Do ponto de vista prático, a ferramenta apresenta múltiplas aplicações. Primeiramente, ela pode servir como recurso didático no ensino de epidemiologia computacional, ao permitir que estudantes visualizem como pequenas variações na resistência imunológica impactam a evolução de um surto. Além disso, a simulação pode ser utilizada em estudos exploratórios, auxiliando pesquisadores a entender os efeitos de diferentes cenários de imunização. Outra possibilidade envolve o uso da plataforma como uma base extensível, possibilitando o desenvolvimento de simulações mais complexas, que incluam aspectos como mobilidade populacional, campanhas de vacinação progressiva ou mesmo reinfecção ao longo do tempo.

Apesar dos avanços proporcionados, o modelo possui limitações importantes. A resistência dos indivíduos é tratada como estática, ou seja, não há variação ao longo do tempo. Além disso, os indivíduos permanecem fixos no espaço, o que exclui a possibilidade de estudar deslocamentos e aglomerações dinâmicas. Outro ponto é que os indivíduos recuperados tornam-se permanentemente imunes, sem a possibilidade de reinfecção, o que simplifica demais a realidade de certas doenças. Por fim, o modelo não considera mortalidade, o que restringe a análise de impactos mais severos de determinadas epidemias.

Para o futuro, há várias possibilidades de expansão. A inclusão da reinfecção e da perda gradual de imunidade tornaria o modelo mais realista e próximo do comportamento observado em epidemias virais. Além disso, a simulação de campanhas de vacinação dinâmicas ou imunização por contato pode enriquecer os cenários testados. A implementação de mobilidade entre regiões, inclusive com fluxos migratórios e sistemas de transporte, também permitiria avaliar padrões de contágio em diferentes contextos geográficos. Finalmente, a integração com dados históricos reais possibilitaria o ajuste e a validação do modelo com base em surtos anteriores, ampliando sua robustez e aplicabilidade prática.

**5. Conclusão**

Este trabalho propôs um modelo de simulação da propagação de doenças infecciosas com autômatos celulares e resistência parcial. Os resultados mostraram que a inclusão de resistência parcial altera significativamente o comportamento da epidemia, reduzindo o número de infectados e retardando o pico. A proposta contribui com uma abordagem acessível, extensível e visualmente intuitiva, oferecendo valor tanto para ensino quanto para pesquisa. O código está disponível livremente, promovendo a replicabilidade e colaboração futura.

**Referências**

Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. SIAM Review.

Sirakoulis, G. C., Karafyllidis, I., & Thanailakis, A. (2000). A Cellular Automaton Model for the Effects of Population Movement on the Spread of an Epidemic. Ecological Modelling.

Britton, T., Ball, F., & Trapman, P. (2020). A mathematical model reveals the influence of population heterogeneity on herd immunity to SARS-CoV-2. Science.